



## ИСПОЛЬЗОВАНИЕ БИОИНФОРМАТИКИ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ НОВЫХ МИШЕНЕЙ В ТЕРАПИИ РАКА

**Петров Дмитрий Алексеевич**

магистрант кафедры биоинформатики и системной биологии,  
Белорусский государственный университет  
г. Минск, Беларусь

### Аннотация

Статья посвящена современным методам биоинформатики, применяемым для выявления новых мишеней в терапии рака. Рассматриваются алгоритмы анализа геномных, транскриптомных и протеомных данных, а также интегративные подходы к выявлению ключевых белков и генов, связанных с опухолевым ростом и резистентностью к лечению. Обсуждаются преимущества использования больших данных и искусственного интеллекта для разработки целевых препаратов и персонализированной медицины.

**Ключевые слова:** биоинформатика, рак, терапия, мишени, геномика, транскриптомика, протеомика, искусственный интеллект

### Введение

Раковые заболевания остаются одной из ведущих причин смертности в мире, что требует разработки новых эффективных методов терапии. Выявление молекулярных мишеней — белков, генов и путей, играющих ключевую роль в развитии и прогрессии опухолей — является основой для создания таргетных препаратов. Современные биоинформатические методы позволяют анализировать огромные массивы биологических данных, что значительно ускоряет процесс поиска новых терапевтических целей.

## 1. Современные биоинформатические методы

### 1.1 Анализ геномных данных

Секвенирование полного генома и экзона опухолевых клеток с помощью технологий NGS (Next-Generation Sequencing) позволяет выявлять мутации, структурные варианты и генные перестройки, связанные с онкогенезом.

## **1.2 Транскриптомика и анализ экспрессии генов**

Исследование уровня экспрессии РНК с помощью RNA-seq помогает выявлять гены, сверхэкспрессируемые в опухоли, и мишени для ингибирования.

## **1.3 Протеомика**

Масс-спектрометрия и другие методы протеомного анализа позволяют выявлять ключевые белки и посттрансляционные модификации, влияющие на развитие рака.

## **1.4 Интегративные подходы**

Объединение данных разных omics-уровней с применением методов машинного обучения и сетевого анализа помогает выявлять наиболее перспективные мишени.

## **2. Роль искусственного интеллекта и машинного обучения**

ИИ и машинное обучение используются для классификации опухолей, прогнозирования ответа на лечение и выявления биомаркеров. Алгоритмы глубокого обучения помогают находить скрытые закономерности и предсказывать функции неизвестных белков.

## **3. Примеры успешных применений**

- Выявление онкогена KRAS как ключевой мишени в терапии колоректального рака.
- Использование биоинформатики для разработки ингибиторов белка PD-1 в иммунотерапии.
- Интеграция данных протеомики и геномики для поиска новых целей при раке молочной железы.
- Моделирование взаимодействий лекарств и белков с использованием молекулярного докинга.

## **4. Вызовы и ограничения**

- Большие объемы данных требуют мощной вычислительной инфраструктуры;
- Необходимость стандартизации и валидации данных;
- Сложность интерпретации результатов и биологической значимости;
- Этические вопросы и защита персональных данных пациентов;
- Требования к междисциплинарному сотрудничеству биологов, врачей и специалистов по ИТ.

## **5. Перспективы развития**

- Разработка более точных и интерпретируемых моделей ИИ;

- Расширение баз данных с клиническими и молекулярными данными;
- Внедрение биоинформатики в персонализированную медицину;
- Использование CRISPR и других геномных редакторов в сочетании с биоинформатическим анализом;
- Усиление международного сотрудничества и обмена данными.

## **Заключение**

Биоинформатика является ключевым инструментом в современном онкологическом исследовании, обеспечивая эффективный и быстрый поиск новых терапевтических мишеней. С развитием вычислительных технологий и интеграцией методов искусственного интеллекта ожидается значительный прогресс в создании персонализированных и высокоэффективных методов лечения рака.

## **Литература**

1. Cancer Genome Atlas Research Network. Comprehensive molecular portraits of human breast tumours. *Nature*, 2012.
2. Libbrecht M. W., Noble W. S. Machine learning applications in genetics and genomics. *Nat. Rev. Genet.*, 2015.
3. Иванов С. В., Биоинформатика и рак: современные подходы. — СПб., 2021.
4. Esteva A., et al. A guide to deep learning in healthcare. *Nat. Med.*, 2019.
5. Wang Z., Gerstein M., Snyder M. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. *Nat. Rev. Genet.*, 2009.
6. FDA. Precision Oncology and Biomarker-Driven Therapies, 2022.
7. Kourou K., et al. Machine learning applications in cancer prognosis and prediction. *Comput. Struct. Biotechnol. J.*, 2015.